

일반논문

3

분자진화학 연구에서 나타난 생물의 불연속성

Biological Discontinuity Shown in Molecular Evolutionary Studies

박준호, 양승훈(벵쿠버기독교세계관대학원)

1. 다윈의 진화론과 분자생물학
2. 생물의 불연속성에 근거한 다윈의 계통도
3. 분자 진화시계 가설
4. 분자진화의 증거에 대한 창조론적 고찰
5. 창조론적 관점에서의 해석

Abstract

Traditional Darwinian evolutionism that argues the common roots for the origin of life is evaluated by the recent results in molecular biology. Molecular evolutionists show that clear genetic relationship among living organisms is not established at all. In particular, studies on the Molecular Evolutionary Clock Theory proposed L.C. Pauling and E. Zuckerkandl show evidences against Darwin's Tree of Life. The ribosomal RNA "clock", proposed C.R. Woese and widely accepted as one of the best molecular "clocks", requires significantly revised classification scheme of life. Moreover F. Doolittle proposed that various forms of life on the earth has multiple origins and were started through complicate interchange of genes in the community of primitive cells. Those arguments in evolutionary molecular biology are reassessed from the creationists' perspective.

1. 다윈의 진화론과 분자생물학

1859년, 영국의 다윈(Charles Robert Darwin, 1809-1882)이 『종(種)의 기원(起原)』(On the Origin of Species by Means of Natural Selection or the Preservation of Favoured Race in the Struggle for Life)을 발표했을 당시에 지구상에 존재하는 생물체에 대한 지식은 주로 외적 형태와 해부학적인 관찰을 통하여서만 얻을 수 있었다. 다윈은 수많은 관찰과 해부를 통해 거시적인 생물세계의 연속적인 진화 개념을 제시했으며 이것은 19세기 중반 이후 생명의 기원과 생물 다양성을 설명하는 독보적인 패러다임으로 인정받아 왔다.

그러나 다윈 이후 한 세기가 지나는 동안 생물학에서는 20세기 초반의 물리학과 화학의 급속한 발전에 힘입어 새로운 도약이 일어났다. 이 도약의 중추적인 업적은 바로 1953년, 시카고 출신의 왓슨(James Dewey Watson, 1928-)과 영국의 크릭 (Francis Harry Compton Crick, 1916-)이 DNA의 분자구조를 해명한 것이었다.¹⁾ 이로 인해 20세기 후반부터는 본격적으로 생명현상에 대한 분자수준에서의 해석과 설명이 시작되는, 가히 혁명적인 변화를 겪어왔다. 다윈의 시대에는 생물에 대한 지식이 대부분 거시적인 관점에 제한되어 있었지만 오늘날에는 생물의 구조와 기능에 대한 이해가 세포와 분자 수준의 미시적인 관점까지 확대되었다고 할 수 있다. 분자진화(Molecular Evolution)는 다윈의 진화론을 분자생물학의 관점에서 설명하기 위해 최근에 시작된 진화 생물학의 새로운 분야이다.

다윈이 주장한 공통조상으로부터의 생물의 연속적인 진화가 사실이라

1) DNA의 이중나선구조를 발견한 공로로 인해 1962년, 왓슨과 크릭은 윌킨스(Maurice Hugh Frederick Wilkins, 1916-)와 함께 노벨생리의학상을 받았다.

면 분자수준에도 이를 입증하는 수많은 증거가 밝혀져야만 할 것이다.²⁾ 그러나 최근의 연구동향에 따르면 분자수준에서의 진화는 다윈이 제시한 공통조상으로부터 시작된 후 연속적인 생물진화의 틀로 해석하기 어려운 현상들이 계속 발견되고 있다. 따라서 본고에서는 현대 분자생물학의 발전으로 새롭게 형성된 분자진화학의 연구성과들이 다윈의 연속적인 생물 진화 과정을 효과적으로 증명하고 있는가에 대해서 고찰해 보고 이러한 분자진화의 연구 결과들을 창조론적 관점에서 새롭게 조망해 보고자 한다.

2. 생물의 연속성에 근거한 다윈의 계통도

분자 진화의 영역에서 발견된 과학적 사실들이 생물의 연속적인 진화 과정에 대한 이론과 제대로 부합하고 있는지에 대해 검토하기에 앞서 먼저 다윈에 의해 구체화된 생물의 연속성에 대한 개념을 살펴보기로 하자.

생물종(species)의 연속성 개념, 즉 연속적 변화 개념이 보편화된 것은 최근 150년 동안이었다고 할 수 있다. 18세기까지만 해도 사람들은 생물 종은 안정적이고 불변하며 고정된 것으로 생각하였다. 대표적인 예로는 18세기 중반, 『자연의 체계』(Systema naturae)(10판, 1758년)라는 저서를 통해 현대 생물분류학의 기초를 놓은 스웨덴 식물학자 린네(Carolus Linnaeus, 1707-1778)를 들 수 있다. 그는 성경에 따라 모든 생물은 완전

2) Michael Behe, Darwin's Black Box : Biochemical Challenge to Evolution. New York: Touchstone, 1996, pp.3-25. 이 책의 1장에는 생화학과 분자생물학의 관점에서 다윈의 진화개념을 새롭게 조명해 보아야할 필요성에 대하여 잘 설명되어 있다.

하게 창조된 것으로 보고 창세기 1장에서 반복되는 “그 종류(kind)대로” (הַיָּמִינִי) “종류”에 해당하는 히브리어 “הַיָּמִינִי”을 그의 라틴어로 된 분류체계의 종(species)명과 일치되도록 의도적으로 노력했다.”

그러나 19세기에 들어와 진화 개념이 부상하면서 종의 불변 개념은 크게 흔들리기 시작했다. 점점 종이 변화할 수 있다는 생각이 자라나게 되었고 이러한 생물종의 변화와 연속성의 개념은 다윈의 『종의 기원』에서 체계적으로 정리된 후에 오늘날까지 보편화되었다.⁴⁾ 『종의 기원』에서 다윈이 제시하고자 하였던 주요한 두 가지 논지는 다음과 같이 요약될 수 있다. 첫째는 현재의 생물의 종(species)은 공통된 조상으로부터 유래되어 연속적인 과정(descent with modification)에 의해 생겨난다는 점이다. 그리고 둘째는 이러한 연속적인 과정에 의한 새로운 종의 출현은 구체적으로 자연선택(natural selection)의 기작에 의해 일어난다는 것이다.⁵⁾

다윈은 생물이 원시형태의 공통조상(common ancestor) 세포로부터 유래한 후 연속적으로 진화해 나가는 생물계통도(Darwin's Tree of Life)를 제시하였다.⁶⁾ 이 도표에 의하면 현재 존재하거나 멸종한 지구상의 모든 생물종들은 공통된 뿌리로부터 시작된 가지 구조의 연속적 과정 속에서 파악할 수 있으며, 생물 다양성은 진화의 연속적인 과정의 결과로 인식할 수 있다. 19세기 중반, 다윈 이후 보편화된 이러한 생물종의

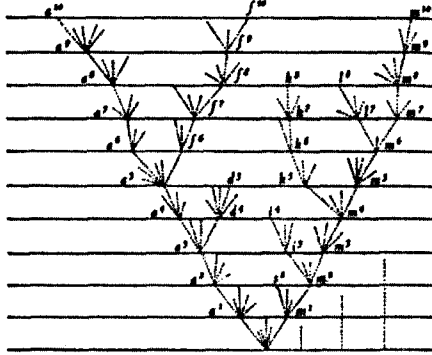
3) 조덕영, 『성서와 과학자들』, 서울: 두루마리, 1997, p.105.

4) 임경순, “과학사 개론.” Available from <http://www.postech.ac.kr/press/hs/contents.htm>; Internet; accessed 15 February 2001.

5) Neil A. Campbell, Jane B. Reece, and Lawrence G. Mitchell, *Biology*, Menlo Park: Benjamin/Cummings, 1999, p.12.

6) Charles Darwin, *Origin of Species by Means of Natural Selection*, Chicago: University of Chicago Press, 1952, p.56.

연속적 진화개념은 현재까지 생물학의 기본 전제가 되어왔으며 의심할 여지없는 진리로 인식되어 왔다.



다윈에 의해 제시된 생물계통도(Darwin's tree of life).⁷⁾

3. 분자 진화시계 가설

다윈의 진화론이 19세기 후반부터 현재까지 생물학에서 독보적인 패러다임으로 자리잡아 오는 동안 20세기 중반부터 급속도로 축적되어온 생화학과 분자생물학의 지식은 자연스럽게 분자수준에서 생물의 연속적인 진화과정을 설명하는 도구로 이용되어 왔다. 분자진화는 1960년대 중반 미국의 물리화학자이자 노벨상 수상자인 폴링(Linus Carl Pauling, 1901-1994)과 캘리포니아 팔로 알토의 분자의학연구소(Institute of Molecular Medical Sciences in Palo Alto) 소장인 슈커칸들(Emile Zuckerkandl)이 소위 “분자 진화시계 가설”(Molecular Evolutionary Clock Theory)을 제안하면서 시작되었다.⁸⁾

분자 진화시계 가설은 단백질의 아미노산 서열과 DNA의 유전정보는 시간에 따른 변이가 축적되어 있어서 진화의 시간을 측정하는 시계로 이용될 수 있다는 이론이다. 그러므로 각기 다른 생물들에서부터 유래된 같은 기능을 수행하는 단백질들의 아미노산 서열을 비교함으로써 생물들간의 진화의 거리를 측정할 수 있다는 것이었다. 이 이론에 따르면 두 생물을 비교할 때 특정 단백질의 아미노산 서열을 비교하면 그 차이를 백분율로 나타낼 수 있고 이에 따라서 두 종 사이의 진화적 거리를 정확히 정량적으로 표현하는 것이 가능하게 된다. 이 이론은 1970년대 이후 DNA의 염기서열 해독기술이 개발되어 많은 단백질의 아미노산 서열이 보다 쉽게 해독됨에 따라서 분자 진화학에서 매우 보편적인 방법의 하나로 자리잡게 되었다.⁹⁾¹⁰⁾

분자수준에서 이러한 새로운 진화의 개념이 등장한 이후 지난 30여 년간 진화생물학자들은 단백질과 더불어 보다 효율적으로 분자진화의 시계로 사용될 수 있는 생체분자(biomolecule)를 발견하기 위해 노력해왔다. 그리고 화석과 고생물학의 증거만으로는 불가능하였던 공통조상으

8) Emile Zuckerkandl and Linus Pauling, "Molecules as Documents of Evolutionary History," *Journal of Theoretical Biology*, 8(1965), pp.357-366. 폴링은 노벨화학상(1954), 노벨평화상(1962) 두개를 수상했다.

9) Russel F. Doolittle, Dafei Feng, Simon Tsang, Glen Cho, and Elizabeth Little, "Determining Divergence Times of the Major Kingdoms of Living Organisms with a Protein Clock," *Science*, 271(1996), pp.470-477.

10) 단백질 비교생화학을 이용한 분자진화의 문제점은 이미 덴턴(Michael Denton)의 저서에 자세하게 소개되어 있다. 그는 이미 1970년대 알려진 단백질서열의 정보를 통해 분자진화의 불연속성을 제시하였으며 본고에서 고찰하게될 최근 진화 생물학계에서 일어나고 있는 쟁점에 대한 창조론적 관점의 논의도 분자진화의 불연속성에 대한 덴턴의 혁신적인 발견의 연장선에 있다고 할 수 있다. Michael Denton, 임변삼의역 『진화론과 과학』, 서울: 한국 창조과학회 출판부, 1994, pp.309-345.

로부터 진화의 시간적 거리와 생물간의 계통을 보다 명확히 밝히고자 시도해 왔다.¹¹⁾

최근 10여 년 동안 분자 계통발생학에서 가장 중요하게 사용된 분자 진화의 시계는 리보솜 RNA(Ribosomal RNA: rRNA)로서 이것은 미국 일리노이대학(University of Illinois)의 미생물학 교수였던 위스(Carl R. Woese)에 의해 처음 도입되었다. 이미 많은 사람들은 1960년대 말부터 단백질을 분자진화의 시계로 사용하여 생물진화의 계통을 해명하려는 시도를 해왔다. 그러나 위스는 독자적으로 단백질 자체보다 분자 계통 분류에서 단백질 합성에 관여하므로 모든 생물에 필수적으로 존재하는 리보솜 RNA가 더 효과적인 분자진화의 시계로 이용될 수 있음에 착안하여 연구하였다.¹²⁾ 위스의 전공분야였던 미생물 분류학에서는 연구의 대상인 미생물들이 육안으로 관찰할 수 없을 정도로 작고 또한 쉽사리 형태를 바꿀 수 있기 때문에 육안으로 관찰 가능한 거시 생물들에서 적용되는 형태학적 및 비교 해부학적 기준을 사용한 계통 분류가 곤란하기 때문에 분자진화 시계를 이용한 방법이 빠르게 보편화 될 수 있었다. 특히 다윈주의 진화생물학의 관점에서 보면 미생물들은 다른 동식물보다 먼저 출현하였으므로 이들의 진화에 대한 해명은 베일에 싸여 있던 생명의 공통조상으로부터의 분리된 초기의 생물 계통구조를 완전히 확립하게 하는 매우 중요한 의미가 있었다.¹³⁾ 이러한 진화생물학자들의 기대 가운데 위스는 그의 독창적인 연구를 통해서 리보솜 RNA의 정보에서 기존의 다른 생물들과 구별되는 특이한 미생물 군(群)을 발견하였다. 그는

11) 이러한 진화생물학의 영역을 구체적으로는 “분자 계통발생학(Molecular Phylogeny)” 또는 “분자 계통학(Molecular Systematics)”이라고 한다.

12) CR. Woese, “Bacterial Evolution,” Microbiological Review, 51(1987), pp.221-271.

13) Ford Doolittle, “Phylogenetic Classification and the Universal Tree,” Science, 284(1999), p.2124.

이 미생물 군을 생물의 공통조상으로부터 초기에 분리되어 지구상에 나타난 전혀 다른 생물군으로 판단하여 “아카이아”(Archaea)라고 새롭게 명명하였다.¹⁴⁾

리보솜 RNA의 정보에 따르면 지구상의 모든 생물의 계통은 공통조상으로부터 초기에 세균(bacteria), 아카이아, 그리고 동식물이 포함되는 진핵생물(eukaryote)의 세 개의 가지(branch)로 나누어져 오늘날까지 진화된 것으로 제시되었다.¹⁵⁾ 특히 분자수준에서 구분되는 이러한 세 부류의 생물군들은 분류학상의 새로운 단위인 영역(domain)으로 명명되었고, 기존에 가장 높은 생물 분류체계인 계(界, kingdom)보다 상위에 위치해야 함이 제안되었다.¹⁶⁾

지난 10년 동안 위스의 리보솜 RNA를 이용한 연구는 분자진화에 있어서 보편적인 개념으로 확대되어 미생물뿐 아니라 동식물의 진화계통을 연구하는 데에도 도입되었다. 대부분의 교과서들도 이러한 연구결과가 반영되어 초기의 단일 공통조상으로부터 시작하여 크게 세 개의 군으로 분리된 후 진화하는 새로운 생물의 계통도(Tree of Life)를 소개하기 시작했다.^{18) 19)} 따라서 진화생물학자들은 다윈 이후 100년 이상 거시적인

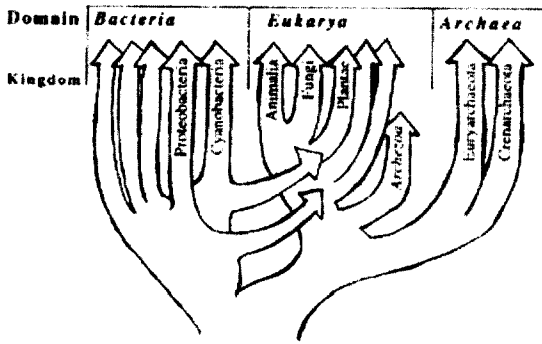
14) 처음에 위스는 이러한 미생물 군을 오래된 세균이라는 의미로 고세균(archaebacteria)이라 명명하였었다.

15) 진핵생물(眞核生物, eukaryote)은 세포핵이 막, 즉 핵막(核膜)으로 싸인 생물을 말하며 원핵생물(原核生物)에 대응되는 말이다. 진핵생물은 유사분열을 하는 세포로 형성되어 있으며 단세포 및 다세포 동물, 남조류를 제외한 식물, 그리고 진핵균류가 이에 해당된다.

16) CR. Woese, O. Kandler, and ML. Wheelis, “Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya,” Proceeding of National Academy of Science USA, 87(1990), pp.4576-4579.

17) (From Ford Doolittle., Science, 284:2125, 1999).

18) Laura Maley and Charles Marshall, “The Coming of Age of Molecular Systematics,” Science, 279(1998), pp.505-506.



리보솜 RNA에 기초하여 워스(Carl Woese)에 의해 제안된 생물의 세 영역 (domain)을 나타내는 계통도¹⁹⁾

관점의 생물학이 밝혀낼 수 없었던 생명의 발생 이후 초기 진화의 역사를 이러한 분자진화의 미시적 관점의 연구를 통해 확실히 규명할 수 있으리라 기대하게 되었다.

그러면 그 동안의 분자진화 연구결과는 생물의 기원에 대하여 무엇을 말하고 있는가? 기대와는 달리 근래에 축적된 분자진화의 연구 결과들은 생물의 진화 계통을 효율적으로 설명하지 못하고 있다. 오히려 일부에서는 다윈 이후 보편적으로 인식되어온, 공통조상을 뿌리(root)로 하여 연속적으로 진화되어온 생물계통도를 수정해야만 한다는 주장을 제기하고 있다.²⁰⁾ 분자진화의 계통도는 어떠한 분자를 기준으로 사용하더라도 항상 일정한 경향을 보여줄 것이라고 기대되었다. 그래서 진화생물

19) 분자 계통분류학에 의해 만들어진 생물계통도(tree of life)를 'Phylogenetic Tree' 라고 하며 그 기본구조는 다윈이 제시한 계통도와 동일하다.

20) Harve Philippe and Patrick Forterre, "The rooting of the universal tree of life is not reliable," *Journal of Molecular Evolution*, 49(1999), pp. 509-523.

학자들은 리보솜 RNA 외에도 다른 생체분자의 유전정보를 진화 시계로 이용하여 진화의 계통도를 그려왔다. 그러나 예상과는 달리 다른 분자를 진화의 시계로 사용하였을 때 얻어지는 생물진화의 계통도는 리보솜 RNA를 기초로 한 계통도와 상관 관계가 나타나지 않았다.²¹⁾ 특히 DNA 염기서열 해독기술의 발달로 여러 생물체의 전체 유전정보가 밝혀짐에 따라 다양한 유전자의 비교가 가능한데 비교하면 할수록 이러한 불일치 현상은 더욱 분명하게 나타난다.^{22) 23) 24)}

그래서 최근 진화생물학자들은 다윈 이후 현재까지 불변의 전제가 되어온, 공통조상의 뿌리에서 시작하여 연속적인 진화를 하였다는 생물의 계통도가 근본적으로 잘못된 가정에 근거하고 있다는 의견을 제기하기 시작하였다.^{25) 26)} 이들은 다윈이 주장한 것과 같이 생물은 하나의 공통조상을 뿌리로 하여 나누어진 후 독립적으로 연속하여 진화된 것이 아니라 오히려 여러 개의 원시세포들의 집합체(community of primitive cells)를 통한 “다수 기원”을 통해 생겨났으며, 다양한 유전자 교환을 통하여 상

21) 예를 들면 A라는 분자를 이용한 진화의 계통도에서는 고래와 토끼는 연관성이 깊은 것으로 나타난 반면에 B라는 분자를 이용하면 고래와 토끼는 오히려 상관 관계가 먼 것으로 나타나는 식으로, 서로 다른 분자를 기준으로 각각 얻어진 분자진화 계통을 비교하면 기대되는 일관성을 보여주지 못한다는 것이다.

22) 한 생물 개체 전체의 유전자 정보를 게놈(genome)이라고 하며 게놈 전체를 해독하는 작업이 “Genome Project”이다. 현재 Genome Project는 인간을 비롯한 여러 생물체에서 이미 완료되었고 앞으로 활발히 계속될 전망이다.

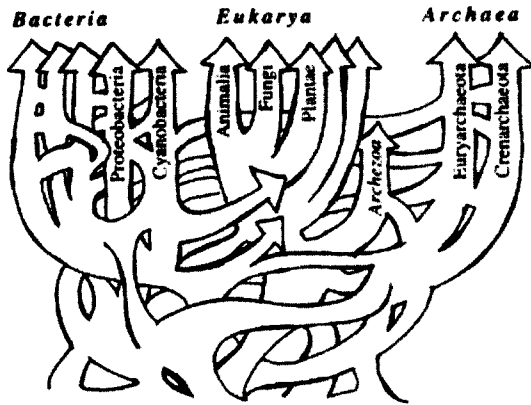
23) James Lake, Ravi Jain, and Maria Revera, “Mix and Match in the Tree of Life,” *Science*, 283(1999), pp.2027-2028.

24) Elizabeth Pennisi, “Genome Data Shake Tree of Life,” *Science* 280(1998): 672-674.

25) Elizabeth Pennisi, “Is It Time to Uproot the Tree of Life,” *Science*, 284(1999), pp.1305-1307.

26) Harve Philippe and Patrick Forterre, pp.520.

호 관계하면서 복합적으로 진화했을 것이라는 견해를 제시하였다. 예를 들면 캐나다 델하우지대학(Dalhousie University)의 분자 진화학자 두리틀(Ford Doolittle)은 다윈의 개념에 맞추려는 시도는 성공적이지 못하였으며 과학의 발전 결과에 따라 지금은 새로운 틀이 필요하다는 견해를 밝혔다.²⁷⁾ 그 결과 생물의 초기 진화에서는 종래의 뿌리와 가지 구조를 통한 연속적인 나무 형태의 생물계통도와는 달리 다양한 근원으로부터 시작한 후 서로 복잡하게 얽혀 진화되었을 것이라는 그물 형태의 새로운 계통도를 제시하게 되었다.^{28) 29)}



수정되어 제시된 그물모양의 계통도.³⁰⁾

27) Ford Doolittle, "Uprooting the Tree of Life," *Scientific American*, 282(2000), pp.90-95.

28) Ford Doolittle, 2127.

29) 이후로 이들을 각각 '나무구조의 계통도'와 '그물구조의 계통도'라 명한다.

30) From Ford Doolittle., *Science*, 284:2127, 1999.

이러한 최근의 동향들은 지난 10여 년 간 이루어진 분자진화의 연구 결과들이 일관되고 연속적인 진화의 과정을 효과적으로 설명하지 못하고 있는 사실을 반영한 것으로서 진화론의 중요한 전체의 수정을 불가피하게 하였다. 바야흐로 분자진화는 종래의 전통인 연속적인 진화의 개념을 지지하기보다는 변화를 요구하고 있다고 할 수 있다.

4. 분자진화의 증거에 대한 창조론적 고찰

지금까지 우리는 분자수준에서의 진화연구는 일관성 있는 연관성을 보여주지 못하며 다윈의 연속적인 진화를 효과적으로 증거하지 못함을 살펴보았다. 그렇다면 창조론적 관점에서 볼 때 이러한 분자진화의 증거들이 시사해 주는 바는 무엇인가?

전술한대로 최근 진화생물학자들은 초기 미생물의 분자진화 연구에서 기대하였던 일관성 있는 연속적 결과를 얻지 못하자 다윈 이후 불변하였던 나무 구조의 생물의 계통도를 그물 모양의 새로운 생물계통도로 수정하여 제시하였다. 생물이 가진 분자정보의 다양성을 고려하였을 때 생물의 공통 조상은 하나가 아니라 다수일 것이며 분자시계들 사이에서 나타나는 불일치는 생물들간의 활발한 유전자 이동에 따른 복잡한 진화과정에 의한 것이라고 제안한 것이다. 이것은 분자진화의 연구들이 보여주는 불연속성과 불일치를 여전히 연속적인 진화론적 틀에 맞추어 해석하고자 하는 고육지책(苦肉之策)에서 나온 것이라 할 수 있다.

요약하자면 앞에서 제기하였던 것처럼 다윈이 제시한 공통조상으로부터 생물의 연속적 진화에 대한 가정이 사실이라면 분자수준에서도 이를 입증하는 수많은 증거들이 있어야 한다. 특히 분자진화는 기존의 고생물학, 발생학, 분류학, 형태학, 생리학, 그리고 비교 해부학 등의 방법보다

훨씬 더 설득력 있게 생물의 연속적 진화를 설명할 수 있어야 한다. 그러나 수많은 진화생물학자들의 노력은 성공적이지 못했으며 오히려 위기에 처한 진화론을 구해줄 것으로 기대했던 분자 진화학에 의해 다윈주의는 새로운 도전에 직면하고 있다.

5. 창조론적 관점에서의 해석

그러면 이러한 분자진화학의 결과는 창조론적 관점에서는 어떻게 조망할 수 있는가? 창조론적 관점에서 보면 이러한 분자진화학의 증거들은 생물은 다양한 기원으로부터 복잡한 상호작용 가운데 진화된 것이 아니라 오히려 분자수준에서부터 각 생물의 유일성과 독특성을 보여주는 것이라 하겠다. 외형적으로 유사하고 연속적으로 보이는 여러 생물종들 일지라도 분자수준에서 비교하면 예상되는 연속성을 발견할 수 없기 때문이다. 따라서 분자진화의 연구 결과들을 보면 생물들은 연속적이기보다는 명백히 불연속적이며 상호연관성 보다는 오히려 각각의 생물이 가지는 고유한 특성을 보여주고 있다고 할 수 있다.

사실 생물 진화의 경향이 연속적이기보다 불연속적이라는 견해는 이미 다른 생물학 분야에서 오래 전부터 제시되어 왔었다. 유인원 진화를 연구하였던 하바드대학(Harvard University)의 고인류학자이자 피바디 박물관(Peabody Museum)의 관장인 필빔(David Pilbeam, 1940-)은 1970년대 초 이미 화석상의 증거와 생화학적인 증거는 서로 연관성을 보이지 않는다는 것을 발견하고 인류진화에 분자진화의 이론을 적용하는 것에 대한 문제점을 제기하였다.³¹⁾ 그는 또한 화석상의 증거를 통하여 유

31) David Pilbeam, *The Ascent of Man* (New York: Macmillan, 1972), 47.

인원들의 진화는 연속적이 아니며 각각 별개의 조상을 갖는 불연속적 계통을 주장하여 창조론과 유사한 모델을 제시한바 있다.³²⁾ 아울러 하바드 대학의 고생물학자 굴드(Stephen Jay Gould, 1941-)에 의해 체계화된 단속평형이론(斷續平衡理論, Punctuated Equilibria Theory)도 화석증거의 불연속성을 인식하고 제안되었던 진화이론이었다.³³⁾

다윈의 『종의 기원』 이후 오랜 동안 지질학자와 고생물학자들은 종과 종을 연결하는 중간화석(Missing Links)을 발견하기 위하여 수많은 노력을 기울여 왔으나 생물의 연속성을 효과적으로 증명하는데 실패했다. 그러한 상황에서 진화생물학자들은 분자진화에 대한 연구가 화석의 증거에서 나타난 간격들을 효과적으로 극복하게 할 중요한 대안이라고 생각했다.³⁴⁾ 그러나 최근 분자진화의 증거는 오히려 다윈에 의해 확립된 생물 진화의 계통도를 뿌리에서부터 수정하게 만들었으며 생물은 계층적으로 연속적인 진화과정을 겪어오지 않았음을 보여주고 있다. 따라서 최근의 분자진화의 연구결과는 역설적으로 생물은 각기 “그 종류대로” 고유한 특성과 목적을 가지고 창조되었다는 창조론의 주장을 지지하고 있다.

창조론적 관점에서 볼 때 분자수준에서의 각 생물간의 관계는 연속적이기보다는 불연속적이며 상호 관련성보다는 오히려 각 생물들의 고유성을 보여주고 있다는 사실은 새로운 가능성을 제시하고 있다고 할 수 있다. 즉 앞으로 분자생물학의 발전은 연속적인 생물진화에 대한 근본 패러다임을 변혁할 수 있는 새로운 기회를 열어줄 가능성이 높다는 점이다. 특히 최근 DNA 정보해독 기술의 비약적 발전에 의한 HGP(Human

32) 김영길 외, 『진화는 과학적 사실인가?』, 서울: 한국창조과학회 출판부, 1981, p.144에서 재인용.

33) 양승훈, 『창조론 대강좌』, 대구: CUP, 1997, p.177.

34) Jonathan Wells, Icons of Evolution - Science or Myth?, Washington DC: Regnery Publishing, 2000, p.42.

Genome Project)의 종료와 그 연구결과들의 공개는 많은 생물들의 유전 정보를 빠른 속도로 밝혀 나가는 촉매 역할을 하고 있다. 따라서 21세기에 계속될 분자생물학의 진보와 그에 따른 미시적인 생명현상에 대한 지식의 증가는 분자수준에서의 새로운 창조론적 조망의 필요성을 절실히 요구하고 있다.³⁵⁾

35) 이러한 상황에서 지적설계운동의 핵심 리더중의 한사람인 비히(Michael Behe)에 의해 제시된 분자수준에서 나타나는 생명현상의 “환원불가능한 복잡성”(irreducible complexity)의 개념은 매우 주목할 만하다. Michael Behe, pp.39-44.

참고문헌

1. 김영길외. 『진화는 과학적 사실인가?』, 서울: 한국창조과학회 출판부, 1981.
2. 양승훈. 『창조론 대강좌』, 대구: CUP, 1997.
3. 임경순. “과학사 개론.” Available from <http://www.postech.ac.kr/press/hs/contents.htm>; Internet; accessed 15 February 2001.
4. 조덕영. 『성서와 과학자들』, 서울: 두루마리, 1997.
5. 한국창조과학회편. 『기원과학』, 서울: 두란노서원, 1999.
6. Behe, Michael. Darwin's Black Box, New York: Touchstone, 1996.
7. Campbell, Neil A., Jane B. Reece, and Lawrence G. Mitchell. Biology, Menlo Park: Benjamin/Cummings, 1999.
8. Darwin, Charles. Origin of Species by Means of Natural Selection, Chicago: University of Chicago Press, 1952.
9. Denton, Michael. 임변삼의 역, 『진화론과 과학』, 서울: 한국 창조과학회 출판부, 1994.
10. Doolittle, Ford. “Phylogenetic Classification and the Universal Tree.” Science, 284(1999): 2124-2128.
11. _____. “Uprooting the Tree of Life.” Scientific American, 282(2000): 90-95.
12. Doolittle, Russel., Dafei Feng, Simon Tsang, Glen Cho, and Elizabeth Little. “Determining Divergence Times of the Major Kingdoms of Living Organisms with a Protein Clock.” Science, 271(1996): 470-477.
13. Maley, Laura., and Charles Marshall. “The Coming of Age of Molecular Systematics.” Science, 279(1998): 505-506.
14. Mills, Gordon. “The Molecular Evolutionary Clock: A Critique.” Perspective on Science and Christian Faith, 46(1994): 159-168.
15. Pennisi, Elizabeth. “Genome Data Shake Tree of Life.” Science, 280(1998): 672-674.
16. _____. “Is It Time to Uproot the Tree of Life.” Science, 284(1999): 1305-1307.
17. Philippe, Harve., and Patrick Forterre. “The rooting of the universal tree of life is not reliable.” Journal of Molecular Evolution, 49(1999): 509-523.

18. Pilbeam, David. *The Ascent of Man*, New York: Macmillan, 1972.
19. Wells, Jonathan. *Icons of Evolution - Science or Myth?*, Washington DC: Regnery Publishing, 2000.
20. Woese, CR. "Bacterial Evolution." *Microbiological Review*, 51(1987): 221-271.
21. Woese, CR., O. Kandler, and ML. Wheelis. "Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya." *Proceeding of National Academy of Science USA*, 87(1990): 4576-4579.
22. Zuckerkandl, Emile., and Linus Pauling. "Molecules as Documents of Evolutionary History." *Journal of Theoretical Biology*, 8(1965): 357-366.

박춘호 형제는 부산대 자연과학대학 미생물학과 와 동대학원에서 공부했다(MS). 한 동대학교 생의학연구소 연구원을 거쳐 지금은 밴쿠버기독교세계관대학원(VIEW)에 재학중이다.

양승훈 교수는 경북대 물리교육과, KAIST 물리학과(MS, PhD), 미국 University of Wisconsin-Madison 과학사학과(MA), Wheaton College 신학과(MA)에서 공부했다. 이탈리아 국제이론물리학센터(ICTP) 파견 연구, University of Chicago에서 KOSEF Post-doc으로 연구했다. 경북대학교 물리교육과 교수, 기독교교육동역회 실행위원장, <통합연구> 창간 편집장, 한국창조과학회 부회장 등을 역임했으며 현재는 DEW의 파견으로 밴쿠버기독교세계관대학원(VIEW) 원장으로 재임하고 있다. <창조론 대강좌> 외 20여권의 저서와 다수의 논문을 발표했다.